

文章编号:1001-9014(2018)01-0098-08

DOI:10.11972/j. issn. 1001-9014. 2018. 01. 018

基于 G-SA-SVM 的快速血管化鉴别方法

罗旭^{1,3}, 田望晓², 黄怡², 吴秀玲³, 李林辉⁴, 陈朋⁴, 朱新国^{1*}, 李庆利^{2*}, 褚君浩^{2,5}

(1. 苏州大学苏州大学附属第一医院,江苏苏州 215006;

2. 华东师范大学多维度信息处理上海市重点实验室,上海 200241;

3. 温州医科大学附属第一医院,浙江温州 325000;

4. 温州医科大学,浙江温州 325035;

5. 中国科学院上海技术物理研究所红外物理国家重点实验室,上海 200083)

摘要:生物材料的显微高光谱成像分析技术是生物光谱学研究的前沿。烧伤、深度创伤病人治疗过程中,需要确定移植于患者创面的真皮替代物有没有进入正常的血管化进程,这是评价填充修复材料优劣的关键,也是患者创面恢复的重要指标。提出并实现了一种基于 G-SA-SVM 的快速血管化鉴别方法。该方法以显微高光谱成像技术为基础,首先对采集的高光谱数据进行光谱维和空间维的空白校正处理,然后对数据进行特征自适应性 Gamma 校正,最后利用模拟退火优化参数的支持向量机算法(SA-SVM)进行识别处理,有效定位红细胞,进而快速定位血管。实验结果表明,本文提出的 G-SA-SVM 算法误判率更低,识别精度更高,可以用于微血管新生的评价和鉴定。

关键词:血管化;显微高光谱成像;校正;G-SA-SVM

中图分类号:TP753 文献标识码: A

Rapid vascularization identification using adaptive Gamma correction and support vector machine based on simulated annealing

LUO Xu^{1,3}, TIAN Wang-Xiao², HUANG Yi², WU Xiu-Ling³, LI Lin-Hui⁴,

CHEN Peng⁴, ZHU Xin-Guo^{1*}, LI Qing-Li^{2*}, CHU Jun-Hao^{2,5}

(1. Soochow University ,the First Affiliated Hospital of Soochow University , Suzhou 215006 ,China;

2. Shanghai Key Laboratory of multi dimension information processing East China Normal University Shanghai 200241 ,China;

3. the First Affiliated Hospital of Wenzhou Medical University , Wenzhou 325000 ,China;

4. Wenzhou Medical University , Wenzhou 325035 ,China;

5. China Academy of Sciences , Shanghai Institute of Technical Physics National Laboratory for Infrared Physics , Shanghai 200083 ,China)

Abstract: Microscopic hyperspectral imaging technology of biological material is the forefront of biological spectroscopy study. It is important to make sure whether the dermal substitute transplanted in patient's wounds gets into normal vascularization process when burned or deeply traumatic patients are treated. This is the key to evaluating the quality of repair material and is also an important index of patient's wounds recovery. This paper proposes and realizes a method of rapid vascularization identification based on G-SA-SVM. This method is based on the microscopic hyperspectral imaging. First, the blank correction is used in hyperspectral data. Second, an adaptive Gamma correction model is employed to take advantage of the spectral and spatial features. Finally, simulated annealing is used to optimize the parameters of support vector machine (SA-SVM). SA-SVM is applied to locating the red blood cells effectively and then locating the blood vessels quickly. The experimental results confirm

收稿日期:2017-05-06,修回日期:2017-12-27

Received date: 2017-05-06, revised date: 2017-12-27

基金项目:国家自然科学基金(61377107);浙江省自然科学基金(Y16H110002)

Foundation items: National Natural Science Foundation of China (61377107), Natural Science Foundation of the Zhejiang Province, China (Y16H110002)

作者简介(Biography):罗旭(1975-),男,浙江温州人,博士,主要研究方向组织工程皮肤与创面修复. E-mail:294852961@qq.com

* 通讯作者(Corresponding author): E-mail:zxg45@hotmail.com, qlli@cs.ecnu.edu.cn

that the proposed method called G-SA-SVM has higher classification accuracy. Hence, it can be applied to evaluating the vascularization process.

Key words: vascularization process, microscopic hyperspectral imaging, correction, G-SA-SVM

PACS: 42.30. Va

引言

显微成像高光谱分析技术可有效用于生物质材料的特性识别,是生物光谱学研究的前沿。主要探讨显微成像高光谱分析技术在烧伤、深度创伤、组织缺损病人治疗过程中,移植组织材料替代物的血管化进程,用于鉴定填充修复材料优劣,确定患者创面恢复的情况。把显微成像高光谱分析技术用于这方面研究在国际上尚属首次。据医学情况统计,我国和平时期每年因各种原因发生烧烫伤患者占总人口的千分之十,每年烧伤、溃疡病人大约 1500 万人,其中因真皮组织缺失毁损需移植皮肤治疗近 1 000 万人^[1]。不可再生的真皮组织的丢失是瘢痕发生、发展的病理学基础^[2],而临床因此出现的瘢痕增生不仅严重影响患者外观和局部功能,甚至严重影响患儿的生长健康发育。为解决瘢痕增生的创面难题,真皮替代物作为不可再生真皮的填充修复材料成为目前公认的技术关键^[3]。而移植于患者创面的不同真皮替代物的血管化进程,尤其是其早期血管化(术后 3-5 天)水平,是评价移植的真皮替代物优劣的关键,因此,临床寻找和确定组织工程材料皮肤血管新生的鉴定方法具有重大的现实意义。医学上常用的血管新生的评价和鉴定方法有:血管造影、免疫组化、CT、MRI 等。这些方法或因活体取材技术限制或因皮肤真皮血管细小等使得识别结果难以定量化且一致性较低;而拉曼光谱、激光拉曼光谱等已有的光谱学分析方法^[4]通常需要在血流充分的条件下通过血管内的红细胞成分来观察新生血管的前后变化,数据采集较慢,光谱波动较大^[5],而且不能成像;所以物理学和医学中经典的方法用于评价和鉴定真皮材料的微血管重建或新生,并不合适^[6-7]。因此,建立新的适合于组织工程皮肤移植、普外科的疝气补片、组织缺损填充物等微血管化能力评价鉴别的方法和技术,可以为临床移植学、烧伤整形学科、普外科等补片材料临床血管化的技术开发,提供更合理的技术支持和临床指导^[3,8]。

高光谱成像技术可以作为一种新的方法用于血管化识别分析,该方法不需要进行复杂的医学实验,且分析结果符合实际,使医学研究更加智能化。在传

统的光谱研究领域中,研究样本为地质、植物、人体等宏观物质,现阶段已经拓展到生物组织切片等微观物质,将高光谱成像技术应用于医学病理诊断研究具有重要意义。高光谱成像技术通常应用于遥感中,而显微高光谱成像技术结合了传统显微成像技术以及光谱技术,近年来逐渐应用到了生物医学领域^[9-10],例如肿瘤的早期识别、鉴定、诊断。在皮肤相关的研究方向上,Attas 等^[11]对皮肤血色素氧含量以及水合作用进行了研究,Kong 等^[12]使用高光谱荧光成像系统对皮肤肿瘤的检测进行了研究,Stamatias 等^[13]则通过可见和红外光谱成像对皮肤水肿进行了研究,以上表明高光谱成像技术在皮肤组织研究领域具有广阔的应用前景;但该技术在血管化方面的研究还不多见,因此,对血管化鉴别方法的研究具有重要意义。

从血管的定义来看血管通常背景是白色,形状不规则,周围有一个或者数个细胞核,新生血管内最多的物质成分是红细胞。在医学上,红细胞有无是血管新生或存在的最重要的判断标志,尤其是功能性微血管判断的唯一金标准。因此红细胞进行有效定位,就能快速定位到血管,就能较为客观准确地判断移植物的微血管新生成程度。

红细胞在血液中的状态不是固定不变的,并且红细胞边缘较厚中间较薄;在显微高光谱成像技术中,同一个红细胞的不同位置的光谱差异较大;因此对于红细胞的识别具有一定的困难。目前国内外研究最多的是血液样本中的红细胞,因为血液中的红细胞密度较大,形态清晰,无论是从人眼角度还是从光谱分析的角度都便于识别。而在包含血管的其他生物组织中,例如皮肤组织,由于组织中含有较多的附属器官,这对于血管中的红细胞(包括重叠的红细胞)的识别和分类造成了一定的困难。分类目标夹杂在多种物质之中,直接采用分类算法会导致识别效果不够理想,相似性物质易被当做目标物质,达不到医学诊断的精度。基于此,提出了一种基于特征自适应性 Gamma 校正和模拟退火优化参数的支持向量机(G-SA-SVM)的快速血管化鉴别方法;首先对采集的高光谱数据进行空白校正处理,提高了光谱曲线的真实性和可靠性;然后对数据进行特征自

适应性 Gamma 校正;最后利用模拟退火优化参数的支持向量机算法(SA-SVM)进行识别处理。实验表明,G-SA-SVM 算法处理的结果误判率更低,识别精度更高,可用于微血管新生的评价和鉴定。

1 分子高光谱数据采集系统与光谱空白校正处理

高光谱图像采集系统^[14]是由扩展改装的光学显微镜组成。在传统的光学显微镜基础上加入彩色 CCD、灰度 CCD、光源发生器、分光仪、高精度三维载物台、计算机等装置。其中分光仪采用声光可调谐滤光器(AOTF),相比传统的分光仪,其具有光波长切换更快、聚光能力更强的优点;高精度三维载物台可以在 x, y, z 轴方向进行移动,精度达到 $0.1 \mu\text{m}$ 。

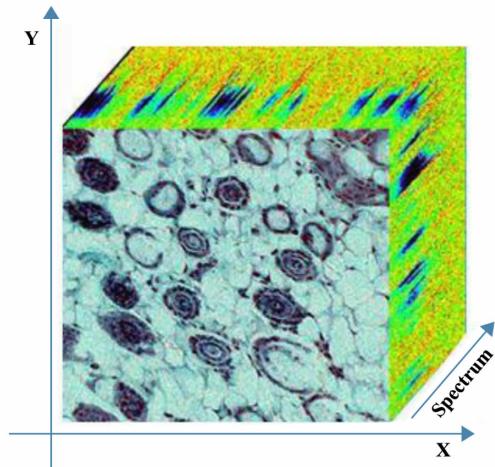


图 1 数据立方体

Fig. 1 Hyperspectral data cube

如图 1 所示,高光谱图像数据包为 $M \times N \times \lambda$ 大小的数据立方体,其中 M, N 为目标视场对应的二维图像的行与列, λ 为波段数,即每一个波段对应一幅 $M \times N$ 的二维图像数据。由于连续采集,图像每个像素点均对应连续的光谱曲线,该光谱曲线是反映物质生化信息的重要特征。

光学显微镜对光照条件的改变比较敏感,因此光照环境的改变对物质光谱曲线具有明显的影响。在病理学中,病理样本不会独立存在,常规的方式是将样本附着于载玻片制成病理切片观察研究。透明的载玻片也具有一定的光谱特性,因此采集的高光谱数据不能直接反映样本的光谱特性,需要对其进行数据预处理以除去载体、光照条件等外界影响。采用基于光谱维与空间维的联合校正预处理方法^[10]。该算法根据光谱维与空间维灰度校正系数计算校正

后的光谱数据。设样本高光谱数据在波段 λ 图像上点 (i, j) 的亮度值为 $D(i, j; \lambda)$, 空白高光谱数据在波段 λ 图像上点 (i, j) 的亮度值为 $K(i, j; \lambda)$, 则空白样本波段平均值为 $K(i, j)$, 即

$$K(i, j) = \frac{\sum_{\lambda=1}^{\lambda} K(i, j; \lambda)}{\lambda}, \quad (1)$$

设校正后空白样本光谱图像数据:

$$K'(i, j; \lambda) = K(i, j; \lambda) \times \frac{K(i, j)}{K(i, j; \lambda)}, \quad (2)$$

再利用 $K'(i, j; \lambda)$ 进行空间维度校正。因为校正后空白样本光谱图像数据在每一波段的亮度值一样,所以取任意波段值 $K'(i, j)$, 则空间维度校正系数为:

$$\mu = \frac{\sum_{i=1}^M \sum_{j=1}^N K'(i, j)}{M \times N}, \quad (3)$$

则可得到预处理之后的高光谱数据为:

$$D'(i, j; \lambda) = \frac{\mu \times D(i, j; \lambda)}{K'(i, j; \lambda)} \times \frac{K(i, j)}{K(i, j; \lambda)}. \quad (4)$$

2 特征自适应性 Gamma 校正

在传统的图像处理中, Gamma 校正是一种经典的图像增强算法,可根据不同的参数去调节图像的亮度,线性与非线性 Gamma 校正均是一种全局方法,而在需要突出某特征区域的情况下并不适用,因此需要对传统的全局 Gamma 校正进行改进。本文提出的特征自适应 Gamma 增强滤波能够通过对样本进行搜索,对每个像素点进行光谱匹配从而划分出目标所在区域,并对该区域进行 Gamma 校正,改变了目标区域所在亮度,使与非目标区域之间的亮度差异更加明显。该方法首先进行特征目标提取,然后划分像素块,最后对像素块进行 Gamma 校正。方法流程图如下:

具体实现步骤为:

(1) 选取特征目标。在本方法中,特征的选取只是为空间区域划分提供一个参考依据,因此选用简单的手动选取方法;提取目标区域所包含的信息,建立标准波谱库。

(2) 划分区域。遍历图像,对每个像素点读取光谱曲线,通过与步骤(1)所建立的波谱库对比,如光谱集中则视为目标像素位置,否则视为非目标区域。对目标像素点选取 $N \times N$ 的邻域像素块(N 取值可通过样本特征而定),通过邻域搜索算法匹配,对区域内的特征点再进行 $N \times N$ 邻域搜索,以此类推,直达找不到目标特征点为止,记录边缘特征点位置:左

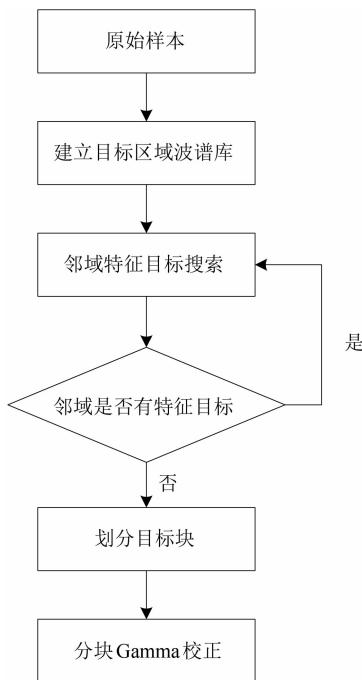


图 2 算法实现流程图
Fig. 2 Flow chart of the block algorithm

上角(x_1, y_1),右下角(x_2, y_2). 则($x_1 \sim x_2, y_1 \sim y_2$)为标识位目标区域块,否则为非目标区域块. 对划分的子块进行步骤(3). 划分区域方法如图 3 所示. 红色块表示特征点,蓝色矩形为搜索到特征区域,剩下区域按照特征区域的边界进行分块,为非特征区域.

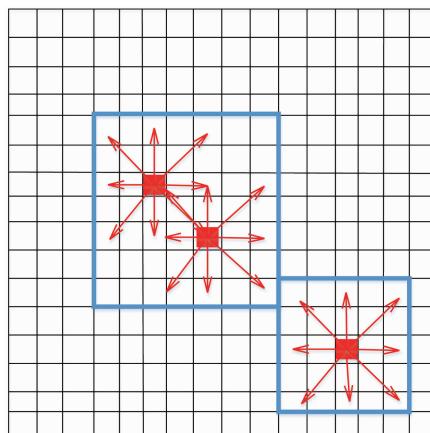


图 3 分块算法
Fig. 3 Diagram of the block algorithm

(3) 自适应性 Gamma 校正. Gamma 校正公式为: $G(I) = I^{\gamma}$, 当 $\gamma < 1$ 时图像亮度相对增强, 当 $\gamma > 1$ 时, 图像亮度相对减弱; 如图 4 所示, 原像素值与 Gamma 校正后的像素对应呈非线性关系. 对步骤(2)划分的子块即目标区域和剩下的非特征区域进

行灰度直方图统计,使目标区域与非目标区域的直方图中两个尖峰出现位置存在一定的间距的值即为确定的 gamma 参数.

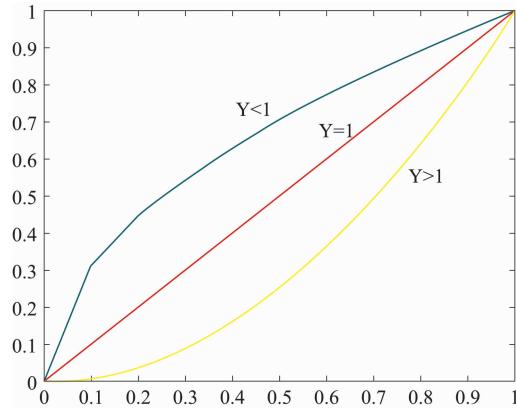


图 4 Gamma 校正
Fig. 4 Gamma correction curves

3 基于模拟退火优化参数的支持向量机识别算法 (SA-SVM)

3.1 支持向量机算法 (SVM)

支持向量机识别算法是基于机器学习的分类算法,其对目标样本参数进行机器学习,形成特征向量,找到数据空间的最优超平面,将样本最优化分类. 超平面可用分类函数 $K(x) = \alpha^T A + b$ 表示,其中 A 表示样本矩阵, α 为权重矩阵, α^T 即为权重向量的转置, b 为最优超平面的倾斜角. 归一化分类函数可得分类间距为 $\frac{2}{|\alpha|}$, 即超平面选取问题可转换为最优化求解问题:

$$\begin{aligned} & \text{MAX}_{\alpha, b} \frac{1}{|\alpha|^2} \\ & \text{Subject to } y_i(\alpha^T A_i + b) - 1 \geq 0, i = 1, 2, \dots, \lambda \end{aligned} \quad (5)$$

求解线性条件约束下的二次目标函数,这是一个凸二次规划问题;对式(5)引入拉格朗日对偶变换,加入拉格朗日乘子 β ,则拉格朗日对偶函数为:

$$\ell(\alpha, b, \beta) = \frac{1}{2} |\alpha|^2 - \sum_{i=1}^{\lambda} \beta_i (y_i(\alpha^T A_i + b) - 1) \quad (6)$$

令 $\frac{\partial \ell}{\partial \alpha} = 0, \frac{\partial \ell}{\partial b} = 0$, 分别可得 $\alpha = \sum_{i=1}^{\lambda} \beta_i y_i A_i, \sum_{i=1}^{\lambda} \beta_i y_i = 0$, 带入式(6)化简可得

$$\ell(\alpha, b, \beta) = \sum_{i=1}^{\lambda} \beta_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^{\lambda} \beta_i \beta_j y_i y_j A_i^T A_j \quad (7)$$

由式(7)可以看出拉格朗日函数只包含了 β_i 一个变量, 在以下约束条件下:

$$\text{Subject to } \beta_i \geq 0, i = 1, 2, \dots, \lambda$$

$$\sum_{i=1}^{\lambda} \beta_i y_i = 0, \quad (8)$$

可以求出分类函数中的未知量, 从而得到超平面方程和分类决策函数.

以上为线性条件下求取超平面来解决分类问题, 然而在大多数的情况下数据都是非线性的. 对于非线性的数据, 线性算法不能解决, 因此引出了一个重要概念: 核函数. 可通过核函数对特征空间进行隐映射, 核函数将数据映射到高维空间, 解决了线性数据不可分的问题. 假设非线性数据类型函数为: $f(x) = \sum_{i=1}^n \alpha_i \Phi_i(x) + b$, 则通过映射之后 $f(x) = \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i \langle \Phi(x), \Phi(z) \rangle + b$, 即求解最优化问题:

$$\text{MAX} \sum_{i=1}^{\lambda} \beta_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^{\lambda} \beta_i \beta_j y_i y_j \langle \Phi(x), \Phi(z) \rangle$$

$$\text{Subject to } \beta_i \geq 0, i = 1, 2, \dots, \lambda$$

$$\sum_{i=1}^{\lambda} \beta_i y_i = 0. \quad (9)$$

为了解决非线性问题, 需要找到一个合理的映射, 将原数据空间映射到一个新的空间, 再利用新的空间进行 SVM 分类, 但在计算多维数据时, 数据空间维度增长会使映射空间维度较大, 计算会变得困难, 当数据维度无穷大时, 几乎无法计算, 核函数的引进有效解决了这一问题. 设核函数 K 满足对于所有属于数据集的 x, z 满足 $K(x, z) = \langle \Phi(x) \cdot \Phi(z) \rangle$, 带入 $f(x)$ 式子则 $f(x) = \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i K_i(x_i, x) + b$, 即求解最优化问题:

$$\text{MAX} \sum_{i=1}^{\lambda} \beta_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j=1}^{\lambda} \beta_i \beta_j y_i y_j K_i(x_i, x)$$

$$\text{Subject to } \beta_i \geq 0, i = 1, 2, \dots, \lambda$$

$$\sum_{i=1}^{\lambda} \beta_i y_i = 0. \quad (10)$$

核函数的引进解决了高维数据空间的计算问题. 常用的核函数有多项式核、高斯核、线性核等.

3.2 模拟退火算法优化参数的支持向量机算法 (SA-SVM)

本文提出的 SA-SVM 算法是通过模拟退火算法来优化支持向量机算法中核函数的参数, 来获得更高的识别精度. 其中, 支持向量机算法的核函数选择径向基函数(RBF), 需要通过 SA 算法来确定 RBF 的两个参数(γ 和 C). C 是惩罚因子, 即对误差的宽容度. C 越高, 对误差的接受度越低, 容易造成过拟合; C 越小, 容易出现欠拟合. 因此, 选取合适的参数很重要. 径向基函数如下:

$$k(x, z) = e^{-\frac{d(x,z)^2}{2\sigma^2}} = e^{-\gamma d(x,z)^2}, \quad (11)$$

$$\gamma = \frac{1}{2\sigma^2}, \quad (12)$$

具体实现步骤为:

(1) 设定初始温度 T 为 100°C, 降温率 r 为 0.9.

(2) 令惩罚因子 C 的初始值为 10, γ 的初始值为 0.005, 计算支持向量机返回的评价函数值 V_e .

(3) 随机改变参数, 产生新状态(新的 C 和 γ); 其中随机变化过程中, C 的随机变化范围限定为 $[0.001, 1000]$, γ 的范围限定为 $[0.0001, 0.5]$, 随机变化最小步长为 0.0001; 计算新的评价函数值 V'_e , 然后计算能量差 dE , 其中 $dE = V'_e - V_e$.

(4) 判断 dE 的大小. 若 $dE > 0$, 表示获得了更优的参数组合, 接受新状态; 若 $dE < 0$, 则以一定的概率接受新状态, 且概率随着时间推移逐渐降低(趋向稳定).

(5) 令 $T = r \cdot T$, 继续进行降温退火学习.

(6) 重复步骤(3)~(5), 直到温度降低接近为 0°C(小于 0.5°C), 获得优化后的参数 C 和 γ .

在步骤(4)中, 若 $P(dE) > \text{random}(0, 1)$, 则接受新状态, 更新参数值; 否则保持 C 和 γ 参数值不变. 其中,

$$P(dE) = e^{\frac{dE}{kT}}. \quad (13)$$

4 实验结果与讨论

本论文采用组织工程化技术, 以实现快速血管化的真皮替代物 LPADM^[7, 15]为模型, 通过动物实验动态取材, 并采用动态 HE 染色病理切片和高光谱分析技术, 观察到 LPADM 材料早期新生血管化的特征光谱和吸光值变化, 证实了材料快速血管化的能力, 也同时证明了显微高光谱分析技术作为真皮替代物早期血管化水平的鉴定方法的可靠性高. 对不同时间下的红细胞进行了研究; 首先对样本进行空白校正, 校正后的光谱曲线反应了物质的光谱特征; 然后采用基于特征适应性 Gamma 校正算法进行预处理, 预处理之后的红细胞光谱曲线发生变化, 与其他物质的光谱差异更加明显; 最后将预处理之后的数据用 SA-SVM 算法进行处理, 与未经过预处理的 SA-SVM 识别结果相对比, 具有更高的识别精度. 同时, 利用分类结果生成伪彩色图像, 与彩色 CCD 拍摄的 RGB 图像以及通过高光谱原图像合成的伪彩色图像进行对比, 通过识别算法合成的伪彩色具有更明显的视觉差异, 解决了医生通过显微镜无法

准确判断隐藏物质的问题.

4.1 空白校正光谱曲线对比

在外界条件影响下,物质光谱曲线均成统一分布,不能反映物质之间的光谱差异.空白校正光谱曲线对比如图 5 所示,选取常见的皮肤组织成分作对比,其中(a)为未校正的光谱曲线,(b)为校正后的光谱曲线.

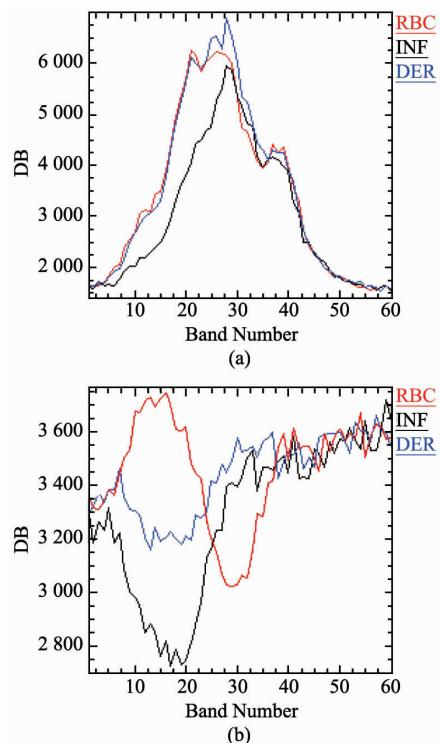


图 5 空白校正光谱对比

Fig. 5 Spectra before and after correction

由图 5(a)可知未校正的红细胞(RBC)、炎症细胞(INF)、正常组织(DER)的光谱曲线呈现统一的波谱趋势,只是波峰值与波峰出现的位置稍有差异;而在图像(b)中,经过空白校正后的三种物质的光谱曲线特征存在明显的差异性,各类物质的光谱曲线的波峰、波谷具有一定的规律特性,反映了不同物质的吸收光谱特性各不相同,从而可通过校正后的光谱曲线准确区分出不同的物质.

4.2 自适应性 Gamma 校正光谱曲线对比

经过空白校正之后,物质的光谱信息较好的反应了物质的特性,但因为光照条件不均匀等环境的影响,不同的物质也可能具有相同或相似的光谱曲线.高光谱图像分割算法以光谱信息为依据,在此种情况下,目标物质的光谱特性可靠度不够高,会较多的出现多分、少分的情况,使得识别精度大大下降.

因此,为了提高识别精度,物质之间光谱差异越大则分类精度会越高.对经空白校正后的光谱数据进行自适应性 Gamma 校正,结果如图 6 所示,其中(a)为 Gamma 校正前的光谱曲线,(b)为 Gamma 校正后的光谱曲线.

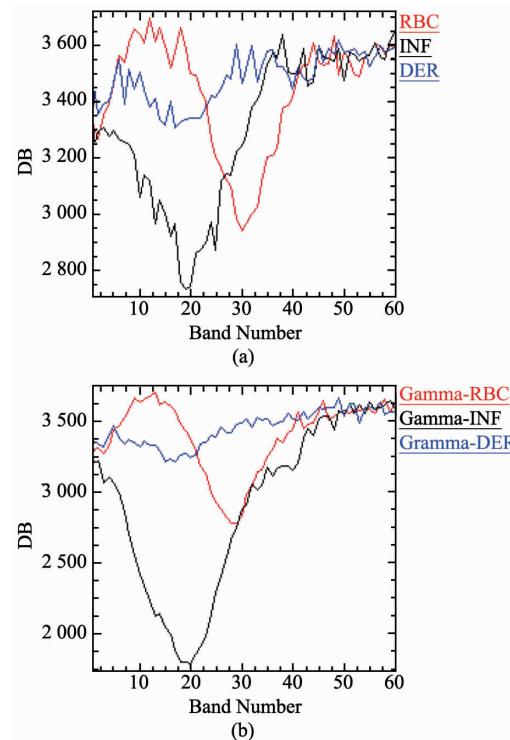


图 6 自适应性 Gamma 校正光谱对比

Fig. 6 Spectra before and after the adaptive Gamma correction

由图 6 可知,经过自适应性 Gamma 校正后的各种物质对应的光谱曲线更加平滑,不同物质之间波峰与波谷的差异性更加明显.

4.3 识别结果对比

识别结果如图 7 所示,按顺序分别列出各个时期(不同天数)的 HE 彩色视场图、高光谱视场下病理医生断定的红细胞区域、SA-SVM 算法处理后的红细胞识别结果、G-SA-SVM 算法处理后的的红细胞识别结果、通过识别结果合成的伪彩色图片.将 HE 图像与伪彩色图像对比,红细胞在经 HE 染色后的彩色视场下不明显,需要仔细看才能找出,而伪彩色图片中的红细胞突出,能立刻辨别出视场内的红细胞.

其中第 1~5 行分别为第 1 天、第 3 天、第 5 天、第 10 天和第 15 天的样本数据,第 1 列为彩色 CCD 拍摄的图像数据,第 2 列为医生标注结果,第 3 列为 SA-SVM 识别结果,第 4 列为 G-SA-SVM 识别结果,

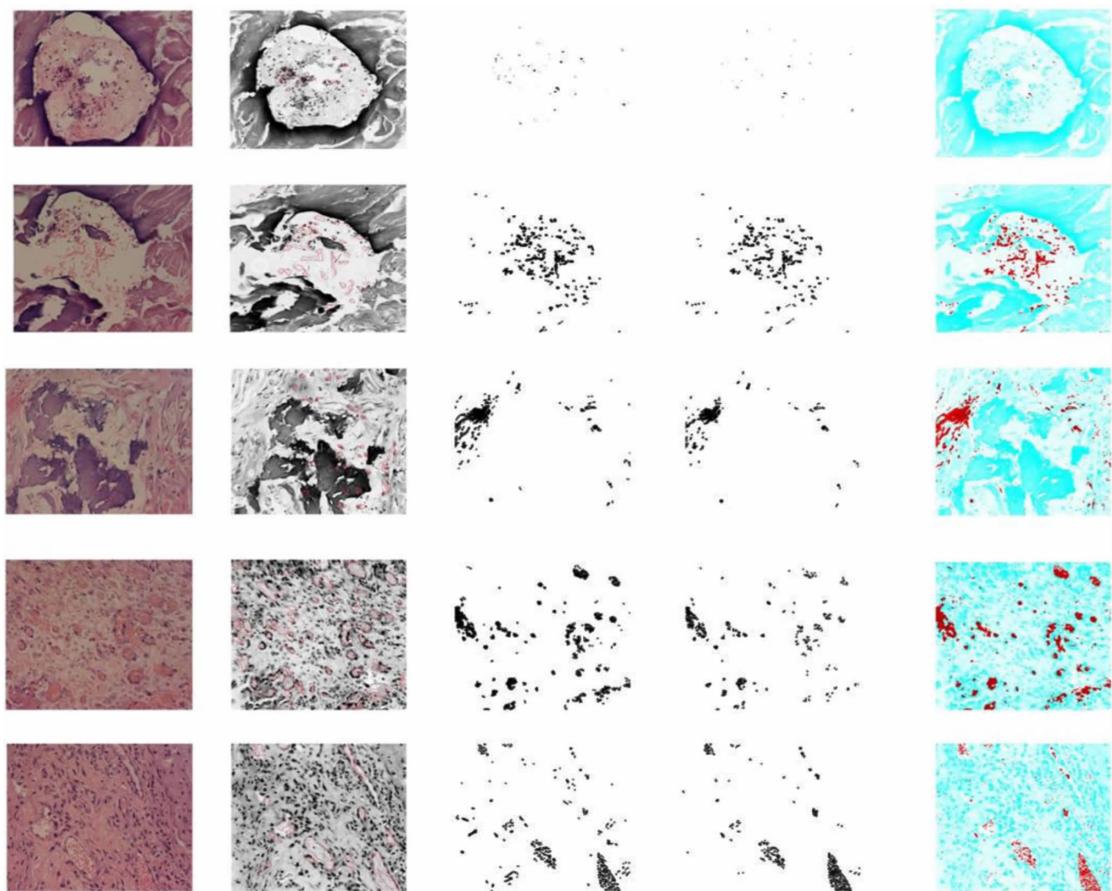


图 7 识别结果

Fig. 7 Recognition results

第 5 列为 G-SA-SVM 伪彩色合成结果。

将医生标注作为标准参照数据, 定义识别精度为算法识别出的红细胞除以标准数据。参考医用彩视场中的红细胞, 在光谱视场中选取对应的红细胞像素作为标准, SA-SVM 算法分割结果与 Gamma-SA-SVM 算法分割结果分别与标准作对比, 计算相应的真阳率(TP)、真阴率(TN)、假阳率(FP)、假阴率(FN)^[16-17]。其中 TP、TN、FP、FN 分别表示为:

$$TP(\text{true positive}) = \frac{R_+}{R} \quad , \quad (14)$$

$$TN(\text{true negative}) = \frac{R_-}{R} \quad , \quad (15)$$

$$FP(\text{false positive}) = \frac{S_-}{R} \quad , \quad (16)$$

$$FN(\text{false negative}) = \frac{S_\pm}{R} \quad , \quad (17)$$

其中, R 是红细胞标准值, R_+ 是标准红细胞中与分割结果重叠部分, R_- 是标准红细胞中与分割结果未被重叠部分, S_- 是分割结果中与标准红细胞区域不相交部分, S_\pm 是分割结果中与标准红细胞区域相交但不重叠部分。

表 1 分割算法结果对比

Table 1 Segmentation results of SA-SVM and G-SA-SVM algorithms

Time	TP		TN		FP + FN		Accuracy	
	SA-SVM	G-SA-SVM	SA-SVM	G-SA-SVM	SA-SVM	G-SA-SVM	SA-SVM	G-SA-SVM
1d	0.6429	0.7784	0.2736	0.1967	1.0364	0.6429	0.4693	0.6027
3d	0.7467	0.8033	0.1561	0.1119	0.6155	0.4982	0.5946	0.6475
5d	0.6524	0.7550	0.2509	0.1667	1.4543	0.3667	0.3831	0.7153
10d	0.8838	0.8859	0.0896	0.0522	1.1738	0.5522	0.4533	0.6295
15d	0.8734	0.8876	0.0609	0.0556	1.2666	0.4986	0.4245	0.6542

则精度为:

$$\text{Accuracy} = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} . \quad (18)$$

为了简化计算,选择直接计算 FP 与 FN 的和,对不同时间的图像进行识别算法处理后得到的精度如表 1 所示。对两种算法的 TP、TN 值进行对比可知,G-SA-SVM 算法有一定的识别精度提升,在 FP 与 FN 中,直接的 SA-SVM 算法将较多杂质识别为红细胞,而 G-SA-SVM 的误判率(将不是红细胞物质识别为红细胞)明显低于 SA-SVM。由此可见,G-SA-SVM 算法能去除样本中的杂质,从而使识别精度有较大提高。

实验结果表明,经过空白校正和特征自适应性 Gamma 校正预处理之后再进行 SA-SVM 处理的结果具有更高的识别精度。

5 结论

采用显微高光谱成像技术对皮肤组织的血管化进行识别分析,其数据中包含的光谱特征可以反映不同的血管化结构和生理信息,能对术区皮肤组织进行新生血管的快速评价,为临床医师评价组织工程皮肤新生血管的生长程度和功能提供快速有效的方法。首先对采集的高光谱数据进行光谱维和空间维的空白校正处理;然后对数据进行特征自适应性 Gamma 校正;最后利用模拟退火优化参数的支持向量机算法(SA-SVM)进行识别处理。与同类算法相比,本文提出的 G-SA-SVM 算法误判率更低,识别精度更高,对于新生皮肤血管化的定量化评估具有一定辅助作用。

References

- [1] Garlick J A. Engineering skin to study human disease—tissue models for cancer biology and wound repair. *Adv Biochem Eng Biotechnol*, 2007, **103**: 207–39.
- [2] Halim A S, Khoo T L, Mohd Yussof SJ, et al. Biologic and synthetic skin substitutes: An overview. *Indian J Plast Surg*, 2010, **43**(Suppl): S23–8.
- [3] Austin Pourmoussa, Daniel J Gardner, Maxwell B Johnson. An update and review of cell-based wound dressings and their integration into clinical practice. *Ann Transl Med*, 2016, **4**(23): 457.
- [4] Klar AS, Biedermann T, Simmen-Meuli C, et al. Comparison of in vivo immune responses following transplantation of vascularized and non-vascularized human dermo-epidermal skin substitutes. *Pediatr Surg Int*, 2017, **33**(3): 377–382.
- [5] WU Zheng-Jie, HUANG Yao-Xiong, WANG Cheng, et al. Study on quantitative analysis of Raman spectra with strong fluorescence background [J]. *Spectroscopy and Spectral Analysis*(吴正洁, 黄耀熊, 王成, 等. 对强荧光背景拉曼光谱定量分析的研究. 光谱学与光谱分析), 2010, **30**(07): 1798–1801.
- [6] Biedermann T S, Boettcher-Haberzeth, E Reichmann, et al. Tissue engineering of skin for wound coverage. *Eur J Pediatr Surg*, 2013, **23**(5): 375–82.
- [7] Luo X, Lin C, Wang X, Lin X, He S, et al. Acellular Dermal Matrix Combined with Autologous Skin Grafts for Closure of Chronic Wounds after Reconstruction of Skull Defects with Titanium Mesh. *J Neurol Surg A Cent Eur Neurosurg*, 2016, **77**(4): 297–9.
- [8] Tasev D, Konijnenberg LS, Amado-Azevedo J, et al. CD34 expression modulates tube-forming capacity and barrier properties of peripheral blood-derived endothelial colony-forming cells (ECFCs). *Angiogenesis*, 2016, **19**(3): 325–38.
- [9] Qian Wang, Li Chang, Mei Zhou, et al. A spectral and morphologic method for white blood cell classification. *Optics & Laser Technology*, 2016, **84**: 144–148.
- [10] Li Q, Peng H, Wang J, et al. Coexpression of CdSe and CdSe/CdS quantum dots in live cells using molecular hyperspectral imaging technology. *J Biomed Opt*. 2015 Nov; **20**(11): 110504.
- [11] Attas M, Hewko M, Payette J, et al. Visualization of cutaneous hemoglobin oxygenation and skin hydration using near-infrared spectroscopic imaging [J]. *Skin Research and Technology*, 2001, **7**(4): 238.
- [12] Kong S G, Du Z, Martin M, et al. Hyperspectral Fluorescence Image Analysis for Use in Medical Diagnostics. Advanced Biomedical and Clinical Diagnostic Systems III [C]. Proc. of SPIE, 2005, **5692**: 21–28.
- [13] Stamatas G N, Southall M, Kollias N. In vivo monitoring of cutaneous edema using spectral imaging in the visible and near infrared [J]. *Journal of Investigative Dermatology*, 2006, **126**(8): 1753–1760.
- [14] LIU Hong-Ying, LI Qing-Li, GU Bin, et al. Performance analysis and data preprocessing of a new molecular hyperspectral imaging system [J]. *Spectroscopy and Spectral Analysis*(刘洪英, 李庆利, 顾彬, 等. 新型分子高光谱成像系统性能分析及数据预处理. 光谱学与光谱分析), 2012, **32**(11): 3161–3166.
- [15] ZENG Tao-Fang, LUO Xu, XIN Guo-Hua, et al. Design, preparation and synchronous transplantation experiments of laser micropore porcine acellular dermal matrix [J]. *Journal of Shanghai Jiaotong University(Medical Science)* (曾逃方, 罗旭, 辛国华, 等. 激光微孔化猪脱细胞真皮基质的设计、制备及同步移植实验. 上海交通大学学报(医学版)), 2012, **32**(10): 1307–1311.
- [16] JIN Shuo, WANG Bin, XIA Wei. Target detection in hyperspectral imagery based on independent component analysis with references [J]. *J. Infrared Millim. Waves*(金硕, 王斌, 夏威. 基于带参考信号独立分量分析的高光谱图像目标探测. 红外与毫米波学报), 2015, **34**(2): 177–183.
- [17] Mohapatra S, Patra D, Satpathy S. An ensemble classifier system for early diagnosis of acute lymphoblastic leukemia in blood microscopic images [J]. *Neural Computing and Applications*, 2014, **24**(7): 1887–1904.